

(19)



Europäisches Patentamt

European Patent Office

Office européen des brevets



(11)

EP 0 835 934 A2

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(43) Veröffentlichungstag:
15.04.1998 Patentblatt 1998/16

(21) Anmeldenummer: 97117504.7

(22) Anmeldetag: 09.10.1997

(51) Int. Cl.⁶: **C12N 15/31**, C12N 15/62,
C07K 14/36, C12N 1/21,
G01N 33/50

(84) Benannte Vertragsstaaten:
**AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU MC
NL PT SE**

(30) Priorität: 10.10.1996 DE 19641876

(71) Anmelder:
**Institut für Bioanalytik GmbH
37079 Göttingen (DE)**

(72) Erfinder:
• **Skerra, Arne, Prof.-Dr.**
64283 Darmstadt (DE)
• **Voss, Selma**
55218 Ingelheim (DE)

(74) Vertreter:
Weiss, Wolfgang, Dipl.-Chem. Dr. et al
Patentanwälte
Weickmann & Partner,
Kopernikusstrasse 9
81679 München (DE)

(54) Streptavidinm uteine

(57) Die Erfindung betrifft ein Polypeptid, ausgewählt aus Muteinen von Streptavidin, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß es (a) innerhalb des Bereichs der Aminosäure-Positionen 44 bis 53, bezogen auf wt-Streptavidin, mindestens eine Mutation enthält und (b) eine höhere Bindungsaffinität für Peptidliganden, umfassend die Aminosäuresequenz Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, aufweist als wt-Streptavidin. Weiterhin werden für das Polypeptid kodierende Nukleinsäuren, ein diese Nukleinsäuren enthaltender Vektor, eine mit dem Vektor transfizierte Zelle, sowie die Verwendung des Polypeptids in Verfahren zur Isolierung, Reinigung oder Bestimmung von Proteinen offenbart. Ein nochmals weiterer Gegenstand ist ein das Polypeptid enthaltender Reagenzienkit.

EP 0 835 934 A2

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft Streptavidinmteine, Verfahren zur Herstellung derartiger Proteine über rekombinante DNA-Technologie, sowie die Verwendung dieser Streptavidinmteine zur Isolierung, Reinigung bzw. Bestimmung von biologischen Substanzen, insbesondere von anderen rekombinanten Proteinen.

Das System Biotin/Streptavidin ist ein heutzutage in der Molekularbiologie allgemein bekanntes Bindungssystem, dessen Bedeutung in den letzten Jahren erheblich zugenommen hat und welches in unterschiedlichen Anwendungsbereichen eingesetzt wird. Dabei macht man sich die spezifische Affinität zwischen Biotin und Streptavidin zunutze, die gleichzeitig mit einer Affinitätskonstante in der Größenordnung von 10^{13} eine der stabilsten bekannten nichtkovalenten Wechselwirkungen ist.

Wichtige herkömmliche Anwendungen bestehen in diversen Abtrennungs- und Nachweisverfahren unter Verwendung meist biotinylierter Enzyme oder/und Antikörper in unterschiedlichen Variationen. Beispiele sind z.B. ELISA, Western Blot etc. Eine Voraussetzung für derartige Verfahren besteht darin, daß das im Verfahren in biotinylierter Form verwendete Reagenz bzw. Enzym zunächst in Reinform erhalten werden kann, um die Biotinylierung, die in einer chemischen Reaktion erfolgt, durchführen zu können.

Für bestimmte Anwendungen ist jedoch eine Biotinylierung nicht oder zumindest nicht in einfacher Weise möglich, wie beispielsweise beim Nachweis und bei der Aufreinigung rekombinant hergestellter Proteine, die zuvor noch nicht isoliert wurden. In der Vergangenheit wurde daher nach Wegen gesucht, das Biotin/Streptavidin-System zu modifizieren, um seinen Anwendungsbereich zu erweitern.

Ein erfolgreicher Ansatz bestand in der Herstellung von Peptidliganden, die ebenfalls eine spezifische Bindungsaffinität zu Streptavidin aufweisen. Geeignete Peptidliganden und entsprechende Fusionsproteine sind in DE-OS 42 37 113 offenbart. Der Vorteil dieser Peptidliganden im Vergleich zu Biotin besteht im wesentlichen darin, daß deren kodierende Sequenz auf DNA-Ebene mit dem Gen eines gewünschten Proteins verknüpft und anschließend zusammen mit der des Proteins koexprimiert werden kann, wodurch ein mit dem Peptidliganden markiertes, d.h. an ihn fusioniertes, rekombinantes Protein gebildet wird. Aufgrund der geringen Größe der Peptidliganden und der Tatsache, daß sie an den N- oder C-Terminus des gewünschten Proteins angehängt werden können, d.h. also in Bereichen, die für die Struktur und biochemische Funktion eines Proteins häufig keine große Bedeutung haben, ist es im allgemeinen auch nicht notwendig, nach der Isolierung und vor Verwendung des Proteins zu anderen Zwecken den Peptidliganden wieder abzuspalten, so daß auch diesbezüglich eine günstige Verfahrensökonomie gegeben ist. In der Tat ist bisher kein Fall bekannt geworden, bei dem eine Abspaltung erforderlich gewesen wäre. Sollte dennoch die Notwendigkeit der Abspaltung bestehen, kann dies durch Inserierung einer Proteasespaltstelle zwischen Bindungspeptid und Proteinsequenz bewerkstelligt werden.

Geeignete derartige Peptidliganden sind ausführlich beschrieben, beispielsweise bei Schmidt und Skerra, Protein Eng. 6 (1993), 109-122 und J. Chromatogr. A 676 (1994), 337-345 sowie bei Schmidt et al., J. Mol. Biol. 255 (1996), 753-766.

Vorteile des Streptavidin-Peptidligand-Systems bestehen darin, daß die Reinigung rekombinanter Proteine überhaupt möglich wird und daß diese Reinigung z.B. durch Affinitätschromatographie unter sehr milden Elutionsbedingungen erfolgen kann, da der gebundene Peptidligand als Teil des rekombinanten Proteins kompetitiv von Biotin bzw. dessen Derivaten verdrängt wird. Außerdem gelingt über den Peptidliganden der Nachweis des rekombinanten Proteins beispielsweise durch Western Blot, ELISA oder durch Immunmikroskopie mittels geeigneter Streptavidinkonjugate.

Ein Nachteil dieses Systems bestand bisher in einer relativ niedrigen Affinität. Für den Komplex zwischen Streptavidin und dem als Strep-tag bezeichneten Peptidliganden (AWRHPQFGG) wurde mittels isothermer Titrationskalorimetrie eine Affinitätskonstante von $2,7 \cdot 10^4 \text{ M}^{-1}$ bestimmt. Obwohl es Hinweise gab, daß die Bindung für ein den Peptidliganden enthaltendes Fusionsprotein etwas stärker sein könnte, ist es wünschenswert, über ein System mit prinzipiell verbesserter Affinität zu verfügen.

Die der Erfindung zugrundeliegende Aufgabe bestand somit darin, das System Streptavidin/Peptidligand hinsichtlich der Bindungsstärke zu optimieren.

Nach anfangs durchgeführten Versuchen, die Sequenz des Peptidliganden weiter zu optimieren, mußte davon ausgegangen werden, daß die Peptidliganden gemäß DE-OS-4237113 offensichtlich bereits ein Optimum darstellten und dieser Ansatz somit wenig erfolgversprechend war.

Mit der Verfügbarkeit der Kristallstruktur des Streptavidin/Peptidligand-Komplexes in hoher Auflösung konnte zwar ein besseres Verständnis der molekularen Wechselwirkungen bzw. der strukturellen Merkmale gewonnen werden (Schmidt et al. 1996, supra), es konnte aus diesen Strukturdaten jedoch keine klare Information erhalten werden ob und in welcher Weise eine Modifizierung der Peptidsequenz oder des Streptavidins in rationaler Weise durchgeführt werden kann, um die Affinität zu verbessern und somit die eingangs gestellte Aufgabe zu lösen.

In einem evolutiven Forschungsansatz wurde nun überraschenderweise festgestellt, daß eine Verbesserung der Bindungsaffinität für das Streptavidin/Peptidligand-System durch Mutation im Bereich der Aminosäurepositionen 44 bis 53 von Streptavidin erreicht werden kann.

Ein Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist somit ein Polypeptid, ausgewählt aus Muteinen von Streptavidin, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß es (a) innerhalb des Bereichs der Aminosäure-Positionen 44 bis 53, bezogen auf die Aminosäuresequenz von Wildtyp-(wt)-Streptavidin (Nomenklatur gemäß Argarana et al., Nucleic Acids Res. 14 (1986), 1871-1882), mindestens eine Mutation, insbesondere einen Aminosäureaustausch enthält und (b) eine höhere Bindungsaffinität für Peptidliganden, umfassend die Aminosäuresequenz Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, aufweist als wt-Streptavidin.

Außerhalb des Bereichs der Aminosäurepositionen 44 bis 53 können die Streptavidinmuteine der vorliegenden Erfindung der Aminosäuresequenz von wt-Streptavidin entsprechen. Andererseits kann die Aminosäuresequenz der erfindungsgemäßen Muteine auch außerhalb des Bereichs der Aminosäuren 44 bis 53 Unterschiede zur wt-Streptavidinsequenz aufweisen. Derartige Varianten der Streptavidinsequenz umfassen natürlich vorkommende sowie künstlich erzeugte Varianten und unter den Abweichungen werden Austausche, Insertionen, Deletionen von Aminosäureresten sowie N- oder/und C-terminale Additionen verstanden.

Die Angabe "höhere Bindungsaffinität" bezieht sich im Sinne der vorliegenden Anmeldung auf einen Komplex aus einem erfindungsgemäßen Streptavidinmutein und einem Peptidliganden gemäß DE-OS-4237113 und kann durch übliche Verfahren, z.B. ELISA, Fluoreszenztitration oder Titrationskalorimetrie bestimmt werden. Die auf diese Weise bestimmte Bindungsaffinität wird durch Kenngrößen angegeben, wie etwa Affinitäts- und Dissoziationskonstante oder thermodynamische Parameter. Die Erhöhung der Bindungsaffinität, die mit einem erfindungsgemäß innerhalb des Bereichs der Aminosäurepositionen 44 bis 53 veränderten Streptavidinmutein im Vergleich zum entsprechenden unveränderten Streptavidin erhalten wird, beträgt im allgemeinen mindestens Faktor 5, bevorzugt mindestens Faktor 10 und stärker bevorzugt mindestens Faktor 20. Bevorzugte erfindungsgemäße Streptavidinmuteine umfassen mindestens eine Mutation im Bereich der Aminosäurepositionen 44 bis 47.

Bevorzugte erfindungsgemäße Streptavidinmuteine sind von Streptavidinvarianten abgeleitet, die am N- oder/und C-Terminus verkürzt sind. Besonders bevorzugt sind die aus dem Stand der Technik bekannten Minimal-Streptavidine, die sowohl N- als auch C-terminal verkürzt sind. Ein bevorzugtes Polypeptid gemäß der vorliegenden Erfindung umfaßt außerhalb des mutagenisierten Bereichs die Aminosäuresequenz eines Minimal-Streptavidins, das N-terminal im Bereich der Aminosäurepositionen 10 bis 16 beginnt und C-terminal im Bereich der Aminosäurepositionen 133 bis 142 endet. Besonders bevorzugt entspricht das Polypeptid außerhalb des Mutationsbereichs einem Minimal-Streptavidin, das eine Aminosäuresequenz von Position Ala¹³ bis Ser¹³⁹ umfaßt und gegebenenfalls einen N-terminalen Methioninrest aufweist. Die Numerierung von Aminosäurepositionen bezieht sich in dieser Anmeldung durchgehend auf die Numerierung von wt-Streptavidin (Argarana et al., Nucleic Acids Res. 14 (1986), 1871-1882).

Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Streptavidinmuteine sind dadurch gekennzeichnet, daß an Position 44 Glu durch eine hydrophobe aliphatische Aminosäure, z.B. Val, Ala, Ile oder Leu, ersetzt ist, an Position 45 eine beliebige Aminosäure vorhanden ist, an Position 46 eine aliphatische Aminosäure, vorzugsweise eine hydrophobe aliphatische Aminosäure vorhanden ist oder/und an Position 47 Val durch eine basische Aminosäure, z.B. Arg oder Lys, insbesondere Arg, ersetzt ist. Streptavidinmuteine, bei denen die aliphatische Aminosäure an Position 46 Ala ist, d.h. daß an Position 46 kein Austausch vorliegt, oder/und bei denen die basische Aminosäure an Position 47 Arg ist oder/und bei denen die hydrophobe aliphatische Aminosäure an Position 44 Val oder Ile ist, haben eine besonders hohe Affinität für den bei Schmidt et al., Supra, beschriebenen Peptidliganden mit der Sequenz WSH-PQFEK (Strep-tag II).

Spezifische Beispiele für erfindungsgemäße Streptavidinmuteine besitzen im Bereich der Aminosäurepositionen 44 bis 47 die Sequenzen Val⁴⁴-Thr⁴⁵-Ala⁴⁶-Arg⁴⁷ oder Ile⁴⁴-Gly⁴⁵-Ala⁴⁶-Arg⁴⁷.

Aus praktischen Erwägungen ist es wünschenswert, über einen weiteren Liganden zu verfügen, der aufgrund einer höheren Bindungsaffinität oder/und bei Anwesenheit in höheren Konzentrationen die Bindung der vorstehend definierten Peptidliganden (gemäß DE-OS-4237113) zum erfindungsgemäßen Streptavidinmutein wieder auflösen kann. Auf diese Weise ist es möglich, einen gebundenen Peptidliganden bzw. Proteine, an die ein Peptidligand fusioniert ist, unter sehr milden Elutionsbedingungen freizusetzen. Unter diesem Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung somit solche erfindungsgemäßen Streptavidinmuteine, deren Bindungsaffinität für Peptidliganden derart ist, daß sie kompetitiv durch andere Streptavidin-Liganden, z.B. Biotin, Iminobiotin, Liponsäure, Desthiobiotin, Diaminobiotin, HABA (Hydroxyazobenzolbenzoesäure) oder/und Dimethyl-HABA, wieder eluiert werden können. Die Verwendung von gefärbten Substanzen wie etwa HABA hat den Vorteil, daß die Elution visuell überprüft werden kann.

Ungeachtet dessen ist jedoch, wie vorstehend definiert, die Bindungsaffinität des Streptavidinmuteins für Peptidliganden höher als die des zugrundeliegenden wt-Streptavidins. Die Bindungsaffinität, ausgedrückt als Affinitätskonstante, ist somit bezogen auf den in SEQ ID NO. 1 dargestellten Peptidliganden AWRHPQFGG (im folgenden auch als Strep-tag bezeichnet) größer als $2,7 \cdot 10^4 \text{ M}^{-1}$ bzw. bezogen auf in SEQ ID NO. 2 dargestellten Peptidliganden WSH-PQFEK (im folgenden auch als Strep-tag II bezeichnet) größer als $1,4 \cdot 10^4 \text{ M}^{-1}$, d.h. größer als die veröffentlichten Werte für die Komplexbildung der jeweiligen Peptidliganden mit wt-Streptavidin (innerhalb der Fehlergrenzen). Im allgemeinen liegt die Affinitätskonstante für das Strep-tag II mindestens um einen Faktor 10, bevorzugt um einen Faktor

10 bis 200 über den jeweiligen Werten für wt-Streptavidin.

Für bestimmte Nachweisverfahren kann es bevorzugt sein, die Streptavidinmoleküle der vorliegenden Erfindung in markierter Form zu verwenden. Demgemäß ist ein weiterer Gegenstand dieser Erfindung ein erfindungsgemäßes Polypeptid, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß es zumindest eine Markierung trägt. Geeignete Markierungsgruppen sind dem Fachmann bekannt und umfassen die üblichen Radio-, Fluoreszenz-, Lumineszenz- und Chromophormarkierungen sowie Substanzen bzw. Enzyme, die in einer chemischen oder enzymatischen Reaktion ein bestimmtes Substrat erzeugen. Dabei können alle für wt-Streptavidin bekannten Markierungen auch an die erfindungsgemäßen Streptavidinmoleküle gekoppelt werden.

Gemäß einem weiteren Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung eine Nukleinsäure, die eine für das Streptavidin kodierende Sequenz umfaßt. Eine derartige Nukleinsäure ist gegebenenfalls operativ mit einer für ein Signalpeptid kodierenden Sequenz verknüpft und in einer besonderen Ausführungsform ist die für das Signalpeptid kodierende Sequenz die Sequenz für das OmpA-Signalpeptid. Darüberhinaus können jedoch auch, insbesondere in Abhängigkeit des verwendeten Expressionssystems bzw. der Wirtszelle, andere Signalpeptide verwendet werden und sogar bevorzugt sein. Derartige Signalpeptide sind im Stand der Technik in großer Anzahl bekannt und werden hier nicht eingehend erläutert. Bevorzugt ist aber die cytoplasmatische Expression, d.h. mit einem Start-Methionin anstelle der Signalsequenz (vgl. Schmidt und Skerra (1994), supra).

Gemäß einem weiteren Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung einen Vektor, der mindestens eine Kopie einer vorstehend genannten Nukleinsäure in operativ funktioneller Umgebung enthält. Unter einer operativ funktionellen Umgebung werden solche Elemente verstanden, die die Expression, d.h. Transkription oder/und eine nachfolgende Prozessierung der mRNA ermöglichen, begünstigen, erleichtern oder/und erhöhen. Beispiele für derartige Elemente sind etwa Promotoren, Enhancer, Transkriptionsinitiationsstellen und -terminationsstellen, Translationsinitiationsstellen, polyA-Stellen etc.

Der Vektor wird in Abhängigkeit vom vorgesehenen Expressionssystem ausgewählt und hierfür kommen sowohl single copy-Plasmide, multi copy-Plasmide als auch Vehikel, die eine Integration der Nukleinsäure in das Wirtsgenom begünstigen, in Betracht. Geeignete Vektoren sind in großer Anzahl aus dem Stand der Technik bekannt und werden hierin nicht ausführlich beschrieben. Sie enthalten gegebenenfalls übliche, für Vektoren verwendete Elemente, wie Resistenzen, Selektionsmarker oder/und Elemente, die z.B. eine Amplifizierung der Nukleinsäure oder die Induktion der Expression gestatten.

Gemäß einem weiteren Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung eine Zelle, die mit einem derartigen Vektor, welcher als Insert mindestens eine Kopie einer für ein erfindungsgemäßes Streptavidinmolekül kodierenden Nukleinsäuresequenz trägt, transformiert oder transfiziert ist. Die Auswahl der Zelle ist nicht sonderlich kritisch und im allgemeinen können beliebige Zellen, die für derartige Zwecke geeignet sind, verwendet werden. Es kommen sowohl prokaryontische als auch eukaryontische Zellen sowie Hefen in Betracht. Aus praktischen Gründen werden zur Expression eines unglykosylierten Proteins wie im vorliegenden Fall im allgemeinen prokaryontische Zellen bevorzugt und insbesondere E. coli.

Unter einem nochmals anderen Aspekt betrifft die vorliegende Erfindung ein Verfahren zur Herstellung eines erfindungsgemäßen Streptavidinmoleküls, welches durch die folgenden Schritte gekennzeichnet ist:

(a) Transformieren einer geeigneten Wirtszelle mit einem Vektor, der eine für das Streptavidinmolekül kodierende Nukleinsäure umfaßt,

(b) Kultivieren der Wirtszelle unter Bedingungen, bei denen eine Expression des Streptavidinmoleküls erfolgt,

(c) Gewinnen des Polypeptids.

Bezüglich des Herstellungsverfahrens ist zu beachten, daß die erfindungsgemäßen Streptavidinmoleküle aufgrund ihrer Bindungsfähigkeit mit dem zelleigenen Biotin eine toxische Wirkung ausüben können. Die Bedingungen beim Kultivieren der Wirtszelle sollten daher so gewählt werden, daß das entstehende Expressionsprodukt entweder mittels einer geeigneten Signalsequenz aus dem Inneren der verwendeten Wirtszelle z.B. in das Periplasma oder das Kulturmedium ausgeschleust wird oder in Form unlöslicher Inclusion bodies (Einschlußkörper) im Inneren der Zelle aggregiert. Im ersten Fall kann das erfindungsgemäße Streptavidinmolekül aus der periplasmatischen Zellfraktion oder dem Zellüberstand gewonnen werden, während im letzteren Fall Schritt (c) des erfindungsgemäßen Verfahrens die Lyse der Wirtszellen, die Gewinnung des Streptavidinmoleküls in Form von Inclusion bodies und die Renaturierung des Streptavidinmoleküls umfaßt. Als Wirtszelle ist in diesem Fall E. coli bevorzugt.

Die praktischen Anwendungsmöglichkeiten für die erfindungsgemäßen Streptavidinmoleküle bzw. das System Streptavidinmolekül/Peptidligand entsprechen im wesentlichen denjenigen der herkömmlichen Systeme Streptavidin/Biotin bzw. Streptavidin/Peptidligand. Vorteile ergeben sich insbesondere in Situationen, bei denen eine höhere Bindungsstärke als zwischen nativem Streptavidin und Peptidligand erwünscht ist, bzw. in Situationen, bei denen eine

Biotinylierung eines interessierenden Substrats nicht möglich oder ungünstiger zu bewerkstelligen ist als die entsprechende Verknüpfung mit einem Peptidliganden.

Die Vorzüge gegenüber dem herkömmlichen Streptavidin/Biotin-System kommen insbesondere bei der Affinitätschromatographie bzw. in Reinigungs-, Isolierungs- oder Bestimmungsverfahren für rekombinante Proteine zum Tragen.

Demnach betrifft die Erfindung auch die Verwendung eines erfindungsgemäßen Streptavidinmutes in einem Verfahren zur Isolierung, Reinigung oder zum Nachweis eines Proteins, das mit einer Peptidsequenz der Formel Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, fusioniert ist, wobei man eine das zu isolierende oder zu reinigende Protein enthaltende Flüssigkeit mit dem gegebenenfalls immobilisierten Streptavidinmutes unter geeigneten Bedingungen in Kontakt bringt, um eine Bindung der Peptidsequenz an das Streptavidinmutes zu bewirken, den resultierenden Komplex aus der Flüssigkeit abtrennt und das Protein aus dem Komplex freisetzt oder nachweist. Besonders vorteilhaft wird die Peptidsequenz in Form des Strep-tag oder Strep-tag II gewählt. Vorzugsweise ist die Peptidsequenz an den N- oder/und C-Terminus des Proteins fusioniert. Das Streptavidinmutes kann an eine Festphase gebunden oder mit ihr bindefähig sein.

Ein Vorzug bei der Verwendung des erfindungsgemäßen Systems Streptavidinmutes/Peptidligand in einem Isolierungs- oder Reinigungsverfahren besteht darin, daß zur Elution des den Peptidliganden tragenden Fusionsproteins sehr milde Bedingungen verwendet werden können. So kann eine mit dem Streptavidinmutes gekoppelte Festphase, wie etwa eine Affinitätschromatographiesäule, an welche das Fusionsprotein adsorbiert wurde, mit einer ausreichenden Konzentration eines Liganden, ausgewählt aus Biotin und Derivaten davon, inkubiert werden, um das Fusionsprotein aus dem Komplex freizusetzen. In diesem Zusammenhang hat sich die Verwendung von Desthiobiotin als besonders vorteilhaft herausgestellt.

Die Verwendung der erfindungsgemäßen Streptavidinmutes in Nachweisverfahren kann im wesentlichen analog zu den entsprechenden Verfahren erfolgen, die für herkömmliches Streptavidin bekannt sind. Eine darüber hinausgehende Anwendungsmöglichkeit ergibt sich bei der qualitativen oder quantitativen Bestimmung eines Proteins, das mit einer Peptidsequenz der Formel Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, fusioniert ist, wobei man das zu bestimmende Protein mit einem markierten Streptavidinmutes unter geeigneten Bedingungen, um eine Bindung der Peptidsequenz an das Streptavidinmutes zu bewirken, in Kontakt bringt und die Markierung bestimmt. Ein derartiges Bestimmungsverfahren kann beispielsweise qualitativ zum Nachweis von Proteinen in Western Blots oder quantitativ als ELISA durchgeführt werden. Geeignete Markierungen sind alle bekannten radioaktiven und nichtradioaktiven Markierungsgruppen, z.B. Lumineszenzgruppen, Enzyme, Metalle, Metallkomplexe etc. Das Streptavidin kann direkt z.B. durch kovalente Kopplung markiert sein. Aber auch indirekte Markierungen, z.B. markierte Anti-Streptavidin-Antikörper oder biotinylierte Enzyme usw. können eingesetzt werden.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung ist die Verwendung der erfindungsgemäßen Streptavidinmutes zur Immobilisierung eines Proteins, das mit einer Peptidsequenz der Formel Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, fusioniert ist. Diese Immobilisierung erfolgt vorzugsweise an mit Streptavidinmutes beschichteten Festphasen wie etwa Mikrotiterplatten, Mikrobeads aus organischen oder aus paramagnetischen Materialien oder Sensorchips.

Außerdem ist es natürlich auch möglich, die erfindungsgemäßen Streptavidinmutes im herkömmlichen Streptavidin/Biotin(derivat)-System zu verwenden. In anderen Worten bedeutet dies die Verwendung der erfindungsgemäßen Streptavidinmutes zur Bestimmung oder Gewinnung von Substanzen, die eine mit Streptavidin bindefähige Gruppe tragen. Sofern nur ein Teil des wt-Streptavidins durch die erfindungsgemäßen Streptavidinmutes ersetzt wird, können dabei über die Ausbildung gemischter Tetramere nochmals besondere Wirkungen erzielt werden.

Gemäß einem nochmals weiteren Aspekt betrifft die Erfindung auch einen Reagenzienkit, der ein erfindungsgemäßes Streptavidinmutes sowie gegebenenfalls übliche Puffer-, Hilfs- und Zusatzstoffe umfaßt. Ein solcher Reagenzienkit ist insbesondere zur Verwendung in einem vorstehend beschriebenen Isolierungs-, Reinigungs- oder Bestimmungsverfahren vorgesehen. Der Kit ist jedoch auch für andere Verfahren geeignet, bei denen das herkömmliche Streptavidin/Biotin-System verwendet wird, z.B. für Nukleinsäurehybridisierungsassays oder Immunoassays. Der Reagenzienkit kann das erfindungsgemäße Streptavidinmutes in festphasengebundener oder/und markierter Form enthalten.

Die Erfindung wird weiter veranschaulicht durch die nachstehenden Beispiele und die beigefügten Zeichnungen, in denen:

- Figur 1 eine Schemazeichnung des Vektors pASK75-Sap darstellt;
- Figur 2 eine Graphik darstellt, welche die Bindungsaffinität von rekombinantem wt-Streptavidin im Vergleich zu erfindungsgemäßen Streptavidinmutes in einem ELISA zeigt;
- Figur 3 die Bindungsaffinität von rekombinantem wt-Streptavidin im Vergleich zu einem erfindungsgemäßen Streptavidinmutes in einer Fluoreszenztitration zeigt und
- Figur 4 die Reinigung eines Strep-tag-Fusionsproteins unter Verwendung eines Streptavidinmutes durch Affini-

tätschromatographie zeigt.

Figur 1 zeigt den Expressionsvektor pASK75-SAp, der eine für ein Minimal-Streptavidin (Ala¹³ bis Ser¹³⁹) kodierende Sequenz, eine für das OmpA-Signalpeptid kodierende Sequenz, sowie den Tetracyclin Promotor/Operator (tet^{P/O}) zur Transkriptionsregulation enthält.

Weitere gekennzeichnete Regionen des Vektors sind die intergenische Region des filamentösen Phagen f1 (f1-IG), der Replikationsursprung (ori), das β -Lactamasegen (bla) für die Ampicillinresistenz, das Tetracyclinrepressorgen (tetR) und der Lipoprotein-Transkriptionsterminator (t_{pp}).

Das die kodierenden Sequenzen für Signalpeptid und Minimal-Streptavidin enthaltende hybride Strukturgen beginnt an der XbaI-Stelle und reicht stromabwärts bis zur HindIII-Stelle. Der Übergang zwischen Signalsequenz und Streptavidin erfolgt an der StuI/PvuII-Stelle. Die SacII-Stelle, die zum Inserieren der mutierten Streptavidingensequenzen verwendet wurde, ist ebenfalls angegeben.

Figur 2 zeigt die verbesserte Affinität der erfindungsgemäßen Streptavidinmuteine für den Peptidliganden Strep-tag II in einem ELISA. Dazu wurden jeweils Reihen einer ELISA-Platte mit äquivalenten Konzentrationen eines rekombinanten wt-Streptavidin (Raute), des Muteins "1" (Kreis) oder "2" (Quadrat) beschichtet oder lediglich mit BSA (Kreuz) abgesättigt. Nach Absättigen und Waschen wurden die Vertiefungen mit einem gereinigten Fusionsprotein aus bakterieller Alkalischer Phosphatase (PhoA) und Strep-tag II in den aus dem Graph ersichtlichen Konzentrationen inkubiert. Nach Waschen zur Entfernung von ungebundenem Protein wurde die Aktivität des gebundenen PhoA-Strep-tagII-Fusionsproteins in Gegenwart von p-Nitrophenylphosphat gemessen. Die Daten wurden durch nicht-lineare Regression nach der Methode der kleinsten Fehlerquadrate angepaßt. Die folgenden K_D-Werte wurden erhalten: 0,21 μ M für Mutein "1"; 0,30 μ M für Mutein "2"; 18 μ M für rekombinantes wt-Streptavidin.

Figur 3 ist eine Graphik, welche die Bindungsaffinität von rekombinantem wt-Streptavidin im Vergleich zu erfindungsgemäßen Streptavidinmuteinen in einer Fluoreszenztitration zeigt.

Eine Lösung des wt-Streptavidins (Raute), des Muteins "1" (Kreis) oder "2" (Quadrat) wurde mit einer Lösung des synthetisierten Strep-tag II-Peptids, welches N-terminal mit Anthranilsäure derivatisiert war, titriert und die Fluoreszenz der Tryptophan- und Tyrosinreste dabei gemessen (Anregung bei 280 nm; Emission bei 340 nm). Die experimentellen Bedingungen sind in Beispiel 6 beschrieben. Durch nicht-lineare Regression der Datenpunkte nach der Theorie einfacher Komplexbildung wurde für den Peptidkomplex ein K_D-Wert von $13,0 \pm 1,3 \mu$ M für wt-Streptavidin ermittelt, während die Mutanten "1" und "2" K_D-Werte von $1,37 \pm 0,08 \mu$ M bzw. $1,02 \pm 0,04 \mu$ M zeigten.

Figur 4 zeigt die Reinigung des Fusionsproteins aus der bakteriellen Alkalischen Phosphatase und Strep-tag II durch Affinitätschromatographie unter Verwendung des immobilisierten erfindungsgemäßen Streptavidinmuteins "1".

Figur 4 zeigt das Elutionsprofil (anhand der Absorption des Eluats bei 280 nm) bei der affinitätschromatographischen Reinigung des Fusionsproteins der bakteriellen Alkalischen Phosphatase mit dem Strep-tag II aus dem bakteriellen periplasmatischen Zellextrakt unter Verwendung des immobilisierten Streptavidinmuteins "1". Die experimentellen Bedingungen sind in Beispiel 4 beschrieben. Nach Entfernung der Wirtsproteine durch Waschen mit Chromatographiepuffer wurde nacheinander mit Lösungen von Diaminobiotin (dab), Desthiobiotin (dtb) und Biotin eluiert. In Gegenwart von Desthiobiotin wurde das gebundene Fusionsprotein nahezu quantitativ eluiert. Anschließende Analyse durch SDS-Polyacrylamid-Gelelektrophorese zeigte eine praktisch vollständige Reinheit des so isolierten Proteins.

Weiterhin wird die Erfindung durch das nachfolgende Sequenzprotokoll erläutert. Es zeigen:

- SEQ ID NO. 1: die Aminosäuresequenz des Peptidliganden Strep-tag,
- SEQ ID NO. 2: die Aminosäuresequenz des Peptidliganden Strep-tag II,
- SEQ ID NO. 3/4: die Nucleotid- und Aminosäuresequenz von wt-Streptavidin im Bereich der Aminosäuren 44-47,
- SEQ ID NO. 5/6: die Nukleotid- und Aminosäuresequenz des Streptavidin-Muteins 1 im Bereich der Aminosäuren 44-47,
- SEQ ID NO. 7/8: die Nukleotid- und Aminosäuresequenz des Streptavidin-Muteins 2 im Bereich der Aminosäuren 44-47,
- SEQ ID NO. 9: die Nukleotidsequenz des Oligonukleotidprimers P1,
- SEQ ID NO. 10: die Nukleotidsequenz des Oligonukleotidprimers P2,
- SEQ ID NO. 11: die Nukleotidsequenz des Oligonukleotidprimers P3,
- SEQ ID NO. 12: die Nukleotidsequenz des Oligonukleotidprimers P4,
- SEQ ID NO. 13: die Nukleotidsequenz des Oligonukleotidprimers P5,
- SEQ ID NO. 14: die Nukleotidsequenz des Oligonukleotidprimers P6 und
- SEQ ID NO. 15: die Nukleotidsequenz des Oligonukleotidprimers P7.

BeispieleAllgemeine Methoden

DNA-Manipulationen wurden nach gängigen gentechnischen Methoden durchgeführt (s. z.B. Sambrook et al., Molecular Cloning. A Laboratory Manual (1989), Cold Spring Harbor Press). Zur Klonierung und Expression wurde im allgemeinen der E. coli K12-Stamm JM83 (Yanisch-Peron et al., (1985), Gene 33, 103-119) verwendet, mit Ausnahme der Expression unter Kontrolle des T7-Promotors, die gemäß Schmidt und Skerra (1994), supra, durchgeführt wurde. Sequenzierungen wurden durch Plasmidsequenzierung nach der üblichen Didesoxytechnik durchgeführt, unter Verwendung des T7-Sequenzierkits von Pharmacia, Freiburg. Die Synthese der Primer bzw. Oligonukleotide erfolgte unter Verwendung eines Applied Biosystems DNA-Syntheseautomaten.

Beispiel 1Herstellung einer Expressionsbank für Streptavidinmteine

Zur Konstruktion des Vektors pASK75-SAp, der die für ein Minimal-Streptavidin kodierende Gensequenz, fusioniert an die kodierende Sequenz des OmpA-Signalpeptids, trägt (vgl. Figur 1), wurde die für Minimal-Streptavidin kodierende Sequenz aus dem Expressionsvektor pSA1 (Schmidt und Skerra, (1994), supra) unter Verwendung der Primer P1 und P2:

P1: 5'-GAG ATA CAG CTG CAG AAG CAG GTA TCA CCG GCA C (SEQ ID NO. 9) und

P2: 5'-CGG ATC AAG CTT ATT AGG AGG CGG CGG ACG GCT TCA C (SEQ ID NO. 10)

und Taq-DNA-Polymerase durch PCR amplifiziert, das Reaktionsprodukt über Gelelektrophorese gereinigt, mit PvuII und HindIII geschnitten und in das mit StuI und HindIII geschnittene Vektorfragment von pASK75 ligiert. Die vollständige Nukleotidsequenz von pASK75 ist in DE-A-44 17 598.1 angegeben. Der dadurch erzeugte Vektor pASK75-SAp umfaßt eine DNA-Sequenz, die für das OmpA-Signalpeptid, fusioniert an Minimal-Streptavidin, beginnend mit Ala¹³ kodiert.

Eine Plasmidbank mit DNA-Sequenzen, die für im Bereich der Aminosäurepositionen 44 bis 47 (bezogen auf wt-Streptavidin) mutagenisierte Streptavidinderivate kodieren, wurde hergestellt durch PCR-Amplifizierung von pASK75-SAp unter Verwendung der folgenden Primer P3 und P4:

P3: 5'-TCG TGA CCG CGG GTG CAG ACG GAG CTC TGA CCG GTA CCT ACN N(C/G)N N(G/T)N N(C/G)N N(G/T)G GCA ACG CCG AGA GCC GCT AC (SEQ ID NO. 11) und

P4: 5'-CGG ATC AAG CTT ATT AGG AGG CGG CGG ACG GCT TCA C (SEQ ID NO. 12).

Auf diese Weise wurden DNA-Sequenzen erzeugt, die an jeder der vier Positionen 44 bis 47 32-fach degenerierte Codons für jeweils alle 20 Aminosäuren bzw. ein Stopcodon enthielten. Zusätzlich wurde an der Stelle im Bereich der Codons für die Aminosäuren 41/42 eine KpnI-Restriktionsstelle erzeugt. Die resultierenden PCR-Produkte wurden durch Gelelektrophorese gereinigt, mit SacII und HindIII gespalten und in das entsprechend gesplattene Vektorfragment von pASK75-SAp ligiert.

Mit dem Vektorgemisch wurden E.coli JM83-Zellen unter Verwendung des Calciumchloridverfahrens (Sambrook et al., 1989) transformiert.

Beispiel 2Identifizierung von Streptavidinmteinen mit erhöhter Bindungsaffinität für Peptidliganden

Zur Identifizierung von Streptavidinmteinen mit erhöhter Bindungsaffinität für Peptidliganden wurde ein Fusionsprotein aus der Alkalischen Phosphatase von E.coli (PhoA) und dem Strep-tagII-Peptid (WSHPQFEK) hergestellt, welches an ihren C-Terminus angehängt wurde. Hierzu wurde das vollständige phoA-Gen einschließlich der eigenen Signalsequenz und Translationsinitiationsregion aus chromosomaler E.coli K12 W3110-DNA (Bachmann, Bacteriol. Rev. 36 (1972), 525-557) unter Verwendung der Phosphorthioat-Primer P5 und P6:

P5: 5'-TAA TGT TCT AGA ACA TGG AGA AAA TAA AGT GAA ACA AAG GAC (SEQ ID NO. 13) und

P6: 5'-GCT AGG CGG TTT CAG CCC CAG AGC GGC TTT C (SEQ ID NO. 14)

und Pfu-DNA-Polymerase gemäß einer von Skerra (Nucleic Acids Res. 20 (1992), 3551 bis 3554) publizierten Methode durch PCR amplifiziert. Das auf diese Weise erhaltene PCR-Produkt wurde gereinigt und mit dem Restriktionsenzym XbaI geschnitten. Dieses DNA-Fragment wurde dann in mehreren Schritten unter Austausch der Region zwischen XbaI und Eco47III in das Plasmid pASK75-strepII (konstruiert aus pASK75 durch ortsspezifische Mutagenese unter Verwendung des Oligodeoxynukleotids P7 5'-CAC AGG TCA AGC TTA TTA TTT TTC GAA CTG CGG GTG AGA CCA AGC GCT GCC TGC (SEQ ID NO. 15) inseriert, wobei das Expressionsplasmid pASK75-PhoA strep II erhalten wurde.

Die Proteinproduktion erfolgte in 2 l LB-Medium mit 100 µg/ml Ampicillin, wobei die Genexpression bei $A_{550} = 0,5$ durch Zugabe von 0,2 µg/ml Anhydrotetracyclin induziert wurde. Die Induktion erfolgte über Nacht bei einer Temperatur von 37°C. Das PhoA/Strep-tag II Fusionsenzym wurde dann aus der periplasmatischen Zellfraktion durch Streptavidin-Affinitätschromatographie unter Verwendung von Diaminobiotin als Elutionsmittel gemäß der Prozedur von Schmidt und Skerra (1994), supra, gereinigt. Aufgrund des Vorhandenseins von Zn(II)- und Mg(II)-Ionen im aktiven Zentrum des Enzyms enthielt der Chromatographiepuffer kein EDTA.

Die in Beispiel 1 erhaltene Plasmidbank wurde auf einer hydrophilen GVWP-Membran (Millipore, Eschborn) ausplattiert, die auf eine Agarplatte mit LB-Medium enthaltend 100 µg/ml Ampicillin gelegt worden war. Die Membran wurde bei 37°C für 7 bis 8 Stunden inkubiert, bis Kolonien sichtbar wurden.

Dann wurde eine zweite Membran vorbereitet, eine Immobililon P-Membran (Millipore, Eschborn), die mit Anti-Streptavidin-Immunglobulin (Sigma, Deisenhofen) in einer Konzentration von 720 µg/ml in PBS (4 mM KH_2PO_4 , 16 mM Na_2HPO_4 , 115 mM NaCl) ca. sechs Stunden beschichtet und danach in 3 % w/v Rinderserumalbumin (BSA), 0,5 % v/v Tween in PBS ca. 2 Stunden blockiert wurde.

Diese zweite Membran wurde auf eine M9-Minimalagarplatte, die 100 µg/ml Ampicillin und 0,2 µg/ml Anhydrotetracyclin enthielt, gelegt. Anschließend wurde die GVWP-Membran mit den Kolonien auf der Oberseite auf die zweite Membran gelegt und die relativen Positionen der beiden Membranen markiert. Nach Inkubation über Nacht bei Raumtemperatur wurde die obere Membran mit den Kolonien abgenommen und auf einer frischen LB-Ampicillin-Agarplatte bei 4°C gelagert. Die zweite Membran wurde ebenfalls von der Agarplatte abgenommen und dreimal eine Minute unter Schütteln in PBS/Tween (0,1 % v/v Tween in PBS) gewaschen. Danach wurde die Membran mit 10 ml frischer PBS/Tween-Lösung, enthaltend das gereinigte PhoA/Strep-tagII-Fusionsprotein (ca. 1-2 µg/ml), versetzt. Nach einstündiger Inkubation bei Raumtemperatur wurde jeweils zweimal in PBS/Tween und PBS-Puffer nachgewaschen. Die Signalentwicklung erfolgte während 1 bis 2 Stunden in Gegenwart von 10 ml AP-Puffer (100 mM Tris, pH 8,8, 100 mM NaCl, 5 mM MgCl_2) unter Zugabe von 30 µl Brom-Chlor-Indolylphosphat (BCIP) (50 mg/ml in Dimethylformamid) und 5 µl Nitroblau-Tetrazolium (NBT) (75 mg/ml in 70 % v/v Dimethylformamid). Den dabei entstandenen Farbpunkten wurden entsprechende Kolonien auf der ersten Membran zugeordnet. Nach Isolierung und Kultivierung dieser Klone wurden zwei Streptavidinmoleküle "1" und "2" identifiziert. Die Nucleotid- und Aminosäuresequenzen in der mutagenisierten Region für wt-Streptavidin und für die Moleküle waren wie folgt:

wt-Streptavidin	GAG	TCG	GCC	GTC	(SEQ ID NO. 3)
	Glu ⁴⁴	Ser ⁴⁵	Ala ⁴⁶	Val ⁴⁷	(SEQ ID NO. 4)
Molekül "1"	GTC	ACG	GCG	CGT	(SEQ ID NO. 5)
	Val	Thr	Ala	Arg	(SEQ ID NO. 6)
Molekül "2"	ATC	GGT	GCG	AGG	(SEQ ID NO. 7)
	Ile	Gly	Ala	Arg	(SEQ ID NO. 8)

Beispiel 3

Herstellung der Streptavidinmoleküle im präparativen Maßstab

Zur Herstellung der Streptavidinmoleküle im präparativen Maßstab wurde das bekannte Expressionssystem für rekombinantes Minimal-Streptavidin (Schmidt und Skerra (1994), supra) verwendet. Dazu wurde aus dem Vektor pSA1, der die kodierende Region von wt-Streptavidin trägt und den T7-Promotor enthält, der Großteil der kodierenden Region unter Verwendung der singulären SacII- und HindIII-Restriktionsstellen entfernt und durch die entsprechenden Bereiche aus den mutierten pASK75-Sap-Plasmiden ersetzt. wt-Streptavidin und die Streptavidinmoleküle wurden danach in Form cytoplasmatischer Einschlusskörper exprimiert, solubilisiert, renaturiert und durch fraktionierte Ammoniumsulfatpräzipitation gereinigt, wie bei Schmidt und Skerra (1994), supra beschrieben. Die Reinheit der Proteine wurde durch SDS-PAGE unter Verwendung des diskontinuierlichen Puffersystems von Fling und Gregerson (Anal. Biochem. 155 (1986), 83-88) überprüft. Die Charakterisierung der gereinigten, gegen Wasser dialysierten Proteine durch

Elektrospray-Ionisations-Massenspektrometrie ergab Massen von 13334 für das rekombinante wt-Streptavidin (theoretisch 13331,5), 13371 für Mutein "1" (theoretisch 13372,6) und 13344 für Mutein "2" (theoretisch 13342,5).

Beispiel 4

Affinitätschromatographie

Die in Beispiel 3 hergestellten Streptavidinmuteine sowie wt-Streptavidin wurden mit einer Beladung von 5 mg Protein pro ml gequollenem Gel an NHS-aktivierte Sepharose 4B (Pharmacia Freiburg) gekoppelt (Schmidt & Skerra, 1994, Supra). Nach Blockierung der restlichen aktiven Gruppen mit 100 mM Tris/HCl, pH 8,0 über Nacht wurden 2 ml des Gels in eine Säule mit einem Durchmesser von 7 mm eingebracht. Um das Verhalten der auf diese Weise immobilisierten Streptavidinmuteine bei der Affinitätsreinigung von Strep-tag oder Strep-tag II-tragenden Fusionsproteinen zu untersuchen, wurde der rekombinante Proteaseinhibitor Cystatin (Schmidt & Skerra 1994, supra), der entweder mit dem Strep-tag oder dem Strep-tag II fusioniert war, sowie das vorstehend erwähnte PhoA/Strep tag-II Fusionsprotein verwendet. Die Fusionsproteine wurden in einem Expressionssystem durch Sekretion in den periplasmatischen Raum produziert und die periplasmatische Zellfraktion wurde wie in Schmidt & Skerra (1994), supra beschrieben, präpariert.

Die Chromatographie erfolgte in Gegenwart von 100 mM Tris/HCl, pH 8,0, enthaltend 1 mM EDTA (außer bei PhoA) unter Verwendung einer Flußrate von ca. 20 ml/h und Messung der Eluatabsorption bei 280 nm. Nach Auftragen einer Probe von 10 ml, entsprechend der periplasmatischen Zellfraktion von 1 l E.coli Kulturmedium, wurde die Säule gewaschen, bis die Absorption bei 280 nm die Basislinie erreicht hatte. Danach wurde gebundenes Protein schrittweise eluiert, durch Auftragen von jeweils 10 ml Diaminobiotin, Desthiobiotin und Biotin (alle von Sigma, Deisenhofen) in einer Konzentration von 2,5 mM in Chromatographiepuffer und in der angegebenen Reihenfolge.

Es zeigte sich, daß im Gegensatz zu wt-Streptavidin die Anwendung von Diaminobiotin bei den Streptavidinmuteinen nicht zu einer Elution führte. Bei Verwendung des mit höherer Affinität an Streptavidin bindenden Biotinderivats Desthiobiotin wurde auch bei den Muteinen eine Elution in einem scharfen Maximum erreicht. Diese war quantitativ, da bei der nachfolgenden Elution mit Biotin keine wesentliche Menge an Fusionsprotein im Eluat nachgewiesen werden konnte (vgl. Fig. 4).

Beispiel 5

ELISA

Zur Bestimmung der Bindungsaffinität der Streptavidinmuteine für den Peptidliganden Strep-tagII wurde ein ELISA durchgeführt.

Die Vertiefungen einer 96-Loch Mikrotiterplatte (Becton Dickinson and Co., Oxnard, CA) wurden mit 100 µl einer Lösung von rekombinantem wt-Streptavidin bzw. der Muteine "1" oder "2" in einer Konzentration von jeweils 100 µg/ml in 50 mM NaHCO₃, pH 9,6 über Nacht beschichtet. Die Vertiefungen wurden danach 2,5 h mit 3 % w/v BSA, 0,5 % v/v Tween in PBS blockiert. Nach dreimaligem Waschen mit PBS/Tween wurden 50 µl des gleichen Puffers zu jeder Vertiefung gegeben. In die erste Vertiefung in jeder Reihe wurden 20 µl einer Lösung aus 20 µl von 4,85 µM gereinigtem und dialysiertem PhoA/Strep tag II Fusionsprotein plus 30 µl PBS/Tween gegeben und gemischt. Für die weiteren Vertiefungen einer Reihe wurde eine Verdünnungsserie erstellt, indem 50 µl (von insgesamt 100 µl) aus der ersten Vertiefung herauspipettiert und mit dem Inhalt (50 µl) der nächsten Vertiefung in derselben Reihe vermischt wurden usw. Auf diese Weise wurden Konzentrationen des Fusionsproteins zwischen 970 nM in der ersten Vertiefung jeder Reihe und 0,19 nM in der zehnten Vertiefung erhalten.

Nach einstündiger Inkubation wurden die Lösungen entfernt und die Vertiefungen jeweils zweimal mit PBS/Tween und mit PBS gewaschen. Danach wurden 100 µl einer Lösung aus 0,5 mg/ml p-Nitrophenylphosphat in 1 mM ZnSO₄, 5 mM MgCl₂, 1 mM Tris/HCl, pH 8,0 in jede Vertiefung pipettiert. Die Aktivität des gebundenen Fusionsproteins wurde unter Verwendung eines SpektraMAX 250 Photometers (Molecular Devices, Sunnyvale, CA) als Absorptionsänderung bei 410 nm pro Zeit gemessen.

Die Auswertung der Daten erfolgte unter der Annahme eines einfachen Bindungsgleichgewichts zwischen Streptavidin (Mutein) Monomeren (P) und PhoA/Strep-tag II Fusionsprotein (L) wodurch die Dissoziationskonstante zu $K_D = [P][L]/[P \cdot L]$ gegeben ist. Unter der Bedingung, daß $[P]_{TOT} = [P] + [P \cdot L]$ und daß [L] sehr viel größer als $[P \cdot L]$ ist, so daß $[L]_{TOT}$ ungefähr gleich [L] ist, gilt für die Menge des gebundenen Fusionsproteins $[P \cdot L] = [L]_{TOT} [P]_{TOT} / (K_D + [L]_{TOT})$. Die graphische Auswertung der erhaltenen Versuchsergebnisse ist in Figur 2 gezeigt.

Aus den Bindungskurven ist ersichtlich, daß die zwei Streptavidinmuteine eine sehr ähnliche Affinität für das Strep-tag II Fusionsprotein aufweisen, die um mehr als eine Größenordnung über der Affinität von wt-Streptavidin liegt.

Beispiel 6

Fluoreszenztitration

5 Zur Bestimmung der Dissoziationskonstante des 1:1-Komplexes aus den Streptavidinmuteinen (als Monomer betrachtet) und dem Peptidliganden wurde eine Fluoreszenztitration mit dem peptidchemisch synthetisierten Strep-tag II durchgeführt.

Das Peptid mit der Sequenz Abz-Trp-Ser-His-Pro-Gln-Phe-Glu-Lys-COOH (Abz steht für o-Aminobenzoessäure, d.h. Anthranilsäure) wurde an der festen Phase schrittweise aus Fmoc-geschützten Aminosäuren nach dem Fachmann
10 bekannten Methoden in der Reihenfolge vom C-Terminus zum N-Terminus synthetisiert, wobei Abz als Boc-geschütztes Derivat im letzten Schritt gekoppelt wurde. Das Peptid wurde anschließend vom Träger abgespalten und von den Schutzgruppen befreit. Nach Reinigung durch HPLC wurde die Molmasse mittels Felddesorptions-Massenspektrometrie bestätigt.

Die Fluoreszenztitration wurde in einer $1 \cdot 1 \text{ cm}^2$ -Quarzküvette, welche bei 25°C thermostatisiert war, mit einem
15 LS50-Fluoreszenzspektrophotometer der Firma Perkin Elmer (Langen) durchgeführt. Die Wellenlängen für Anregungen bzw. Emission betrugen 280 nm sowie 340 nm, bei einer jeweiligen Schlitzbreite von 5 nm. 2 ml der Lösung von wt-Streptavidin bzw. der Muteine "1" und "2", welche wie in Beispiel 3 beschrieben hergestellt und gegen 1 mM EDTA, 100 mM Tris/HCl pH 8,0 dialysiert worden waren, wurden mit einer Konzentration von $1 \mu\text{M}$ (absorptionsphotometrisch bestimmt für das jeweilige Monomer unter Verwendung eines Extinktionskoeffizienten von $\epsilon_{280}=40455 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$) in der
20 Küvette vorgelegt. Dann wurden Volumina von $1 \mu\text{l}$ oder $4 \mu\text{l}$ einer 0,5 mM Lösung des Peptids in dem gleichen Puffer wiederholt zupipettiert (insgesamt $40 \mu\text{l}$) und nach Mischen mit einem Rührfisch die Fluoreszenzintensität abgelesen. Die Auswertung der Daten erfolgte wie bei Figur 3 beschrieben.

25

30

35

40

45

50

55

SEQUENZPROTOKOLL

(1) ALLGEMEINE ANGABEN:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: Institut fuer Bioanalytik IBA
- (B) STRASSE: Rudolf-Wissell-Strasse 28
- (C) ORT: Goettingen
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POSTLEITZAHL: D-37079

(ii) BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Streptavidinmunteine

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 15

(iv) COMPUTER-LESBARE FASSUNG:

- (A) DATENTRGER: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (EPA)

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 9 Aminosuren
- (B) ART: Aminosure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Peptid

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

Ala Trp Arg His Pro Gln Phe Gly Gly
1 5

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 8 Aminosuren
- (B) ART: Aminosure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Peptid

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

Trp Ser His Pro Gln Phe Glu Lys
1 5

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 12 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

GAGTCGGCCG TC

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LNGE: 4 Aminosuren
(B) ART: Aminosure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Peptid

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

Glu Ser Ala Val
1

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LNGE: 12 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

GTCACGGCGC GT

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LNGE: 4 Aminosuren
(B) ART: Aminosure
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Peptid

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

Val Thr Ala Arg
1

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 12 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

ATCGGTGCGA GG

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 4 Aminosuren
- (B) ART: Aminosure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Peptid

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

Ile Gly Ala Arg
1

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 34 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

GAGATACAGC TGCAGAAGCA GGTATCACCG GCAC

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 37 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

CGGATCAAGC TTATTAGGAG GCGGCGGACG GCTTCAC

37

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 74 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

TCGTGACCGC GGGTGCAGAC GGAGCTCTGA CCGGTACCTA CNNSNNKNNS NNKGGCAACG

60

CCGAGAGCCG CTAC

74

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 37 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

CGGATCAAGC TTATTAGGAG GCGGCGGACG GCTTCAC

37

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 42 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

TAATGTTCTA GAACATGGAG AAAATAAAGT GAAACAAAGG AC

42

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LNGE: 31 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

GCTAGGCGGT TTCAGCCCCA GAGCGGCTTT C

31

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) Lnge: 54 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKLS: Sonstige Nucleinsure

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

CACAGGTCAA GCTTATTATT TTTCGAACTG CGGGTGAGAC CAAGCGCTGC CTGC

54

Patentansprüche

1. Polypeptid, ausgewählt aus Muteinen von Streptavidin,

dadurch gekennzeichnet,

daß es (a) innerhalb des Bereichs der Aminosäurepositionen 44 bis 53, bezogen auf die Aminosäuresequenz von Wildtyp-Streptavidin, mindestens eine Mutation enthält und (b) eine höhere Bindungsaffinität für Peptidliganden, umfassend die Aminosäuresequenz Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, aufweist als wt-Streptavidin.

2. Polypeptid nach Anspruch 1,

dadurch gekennzeichnet,

daß es das Mutein eines Minimal-Streptavidins ist, das N-terminal im Bereich der Aminosäuren 10 bis 16 von Wildtyp-Streptavidin beginnt und C-terminal im Bereich der Aminosäuren 133-142 von Wildtyp-Streptavidin endet.

3. Polypeptid nach Anspruch 1 oder 2,

dadurch gekennzeichnet,

daß mindestens eine Mutation im Bereich der Aminosäurepositionen 44 bis 47 vorliegt.

4. Polypeptid nach Anspruch 1 bis 3,

dadurch gekennzeichnet,

daß an Position 44 Glu durch eine hydrophobe aliphatische Aminosäure ersetzt ist, an Position 45 eine beliebige Aminosäure vorhanden ist, an Position 46 eine hydrophobe aliphatische Aminosäure vorhanden ist oder/und an Position 47 Val durch eine basische Aminosäure ersetzt ist.

5. Polypeptid nach Anspruch 4,

dadurch gekennzeichnet,

daß an Position 46 Ala vorhanden ist.

6. Polypeptid nach Anspruch 4 oder 5,

dadurch gekennzeichnet,

daß an Position 47 Arg vorhanden ist.

7. Polypeptid nach Anspruch 6,
dadurch gekennzeichnet,
5 daß im Bereich der Aminosäurepositionen 44 bis 47 die Sequenz Val⁴⁴-Thr⁴⁵-Ala⁴⁶-Arg⁴⁷ vorliegt.
8. Polypeptid nach Anspruch 6,
dadurch gekennzeichnet,
10 daß im Bereich der Aminosäurepositionen 44 bis 47 die Sequenz Ile⁴⁴-Gly⁴⁵-Ala⁴⁶-Arg⁴⁷ vorliegt.
9. Polypeptid nach einem der Ansprüche 1 bis 8,
dadurch gekennzeichnet,
15 daß die Bindungsaffinität für den Peptidliganden derart ist, daß eine kompetitive Elution durch Streptavidin-Liganden, ausgewählt aus Biotin, Iminobiotin, Liponsäure, Desthiobiotin, Diaminobiotin, HABA oder/und Dimethyl-HABA erfolgen kann.
10. Polypeptid nach einem der Ansprüche 1 bis 9,
dadurch gekennzeichnet,
20 daß die Affinitätskonstante des Komplexes aus Polypeptid und Peptidligand, bezogen auf AWRHPQFGG > $2,7 \cdot 10^4 \text{ M}^{-1}$, und bezogen auf WSHPQFEK > $1,4 \cdot 10^4 \text{ M}^{-1}$ ist.
11. Polypeptid nach einem der Ansprüche 1 bis 10,
dadurch gekennzeichnet,
25 daß es mindestens eine Markierungsgruppe trägt.
12. Nukleinsäure,
dadurch gekennzeichnet,
daß sie eine für das Streptavidinmucin nach einem der Ansprüche 1 bis 10 kodierende Sequenz umfaßt.
- 30 13. Vektor, umfassend mindestens eine Kopie einer Nukleinsäure nach Anspruch 12 in operativ funktioneller Umgebung.
14. Zelle,
dadurch gekennzeichnet,
35 daß sie mit einem Vektor nach Anspruch 13 transformiert oder transfiziert ist.
15. Verfahren zur Herstellung eines Streptavidinmucins nach einem der Ansprüche 1 bis 10, **gekennzeichnet durch** die folgenden Schritte:
40 (a) Transformieren einer geeigneten Wirtszelle mit einem Vektor, der eine für das Streptavidinmucin kodierende Nukleinsäure umfaßt,
(b) Kultivieren der Wirtszelle unter Bedingungen, bei denen eine Expression des Streptavidinmucins erfolgt,
45 (c) Gewinnen des Polypeptids.
16. Verfahren nach Anspruch 15,
wobei Schritt (c) Lyse der Wirtszellen, Gewinnung des Streptavidinmucins in Form von Inclusion bodies und Renaturierung des Streptavidinmucins umfaßt.
50
17. Verfahren nach Anspruch 15, wobei die Expression in Schritt (b) die Expression eines Signalpeptid-tragenden Streptavidins und dessen Sekretion in das Periplasma der Wirtszelle oder das Kulturmedium umfaßt.
18. Verfahren nach einem der Ansprüche 15 bis 17, wobei die Wirtszelle E. coli ist.
55
19. Verwendung eines Streptavidinmucins nach einem der Ansprüche 1 bis 11 in einem Verfahren zur Isolierung, Reinigung oder Bestimmung eines Proteins, das mit einer Peptidsequenz der Formel Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeu-

ten, fusioniert ist, wobei man eine das zu isolierende, zu reinigende oder zu bestimmende Protein enthaltende Flüssigkeit mit dem Streptavidinmucin unter geeigneten Bedingungen, um eine Bindung der Peptidsequenz an das Streptavidinmucin zu bewirken, in Kontakt bringt, den resultierenden Komplex aus der Flüssigkeit abtrennt und das Protein gegebenenfalls aus dem Komplex freisetzt oder bestimmt.

- 5 20. Verwendung nach Anspruch 19,
dadurch gekennzeichnet,
daß das Streptavidinmucin an eine Festphase gebunden oder mit ihr bindefähig ist.
- 10 21. Verwendung nach Anspruch 19 oder 20,
dadurch gekennzeichnet,
daß man zum Freisetzen des Fusionsproteins aus dem Komplex den Komplex mit einer ausreichenden Menge eines Liganden für das Streptavidinmucin ausgewählt aus Biotin und Derivaten davon inkubiert.
- 15 22. Verwendung nach Anspruch 21,
dadurch gekennzeichnet,
daß das Biotinderivat Desthiobiotin ist.
- 20 23. Verwendung eines markierten Streptavidinmucins nach Anspruch 11 in einem Verfahren zur Bestimmung eines Proteins, das mit einer Peptidsequenz der Formel Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, fusioniert ist, wobei man das zu bestimmende Protein mit dem markierten Streptavidinmucin unter geeigneten Bedingungen, um eine Bindung der Peptidsequenz an das Streptavidinmucin zu bewirken, in Kontakt bringt, und die Markierung bestimmt.
- 25 24. Verwendung eines Streptavidinmucins nach einem der Ansprüche 1 bis 11 zur Immobilisierung eines Proteins, das mit einer Peptidsequenz der Formel Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, fusioniert ist, an einer Festphase.
- 30 25. Verwendung nach einem der Ansprüche 19 bis 23,
dadurch gekennzeichnet,
daß die Peptidsequenz ausgewählt wird aus AWRHPQFGG oder WSHPQFEK.
- 35 26. Verwendung eines Streptavidinmucins nach einem der Ansprüche 1 bis 11 zur Bestimmung oder Gewinnung von Substanzen, die eine mit Streptavidin bindefähige Gruppe tragen.
- 40 27. Reagenzienkit zur Verwendung gemäß einem der Ansprüche 19 bis 26, umfassend ein Streptavidinmucin nach einem der Ansprüche 1 bis 11 sowie gegebenenfalls übliche Puffer-, Hilfs- und Zusatzstoffe.
- 45
- 50
- 55

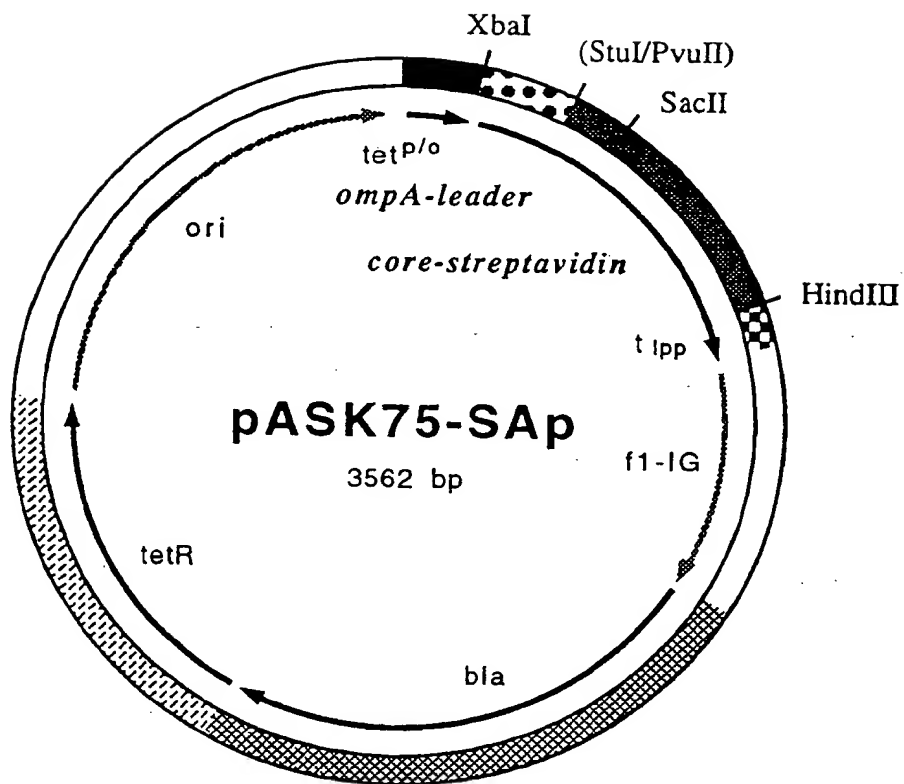


Fig. 1

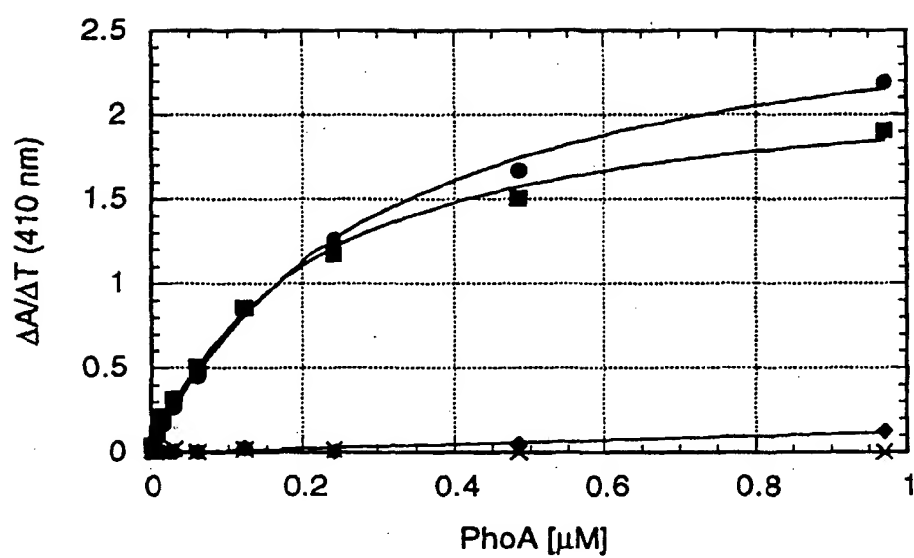


Fig. 2

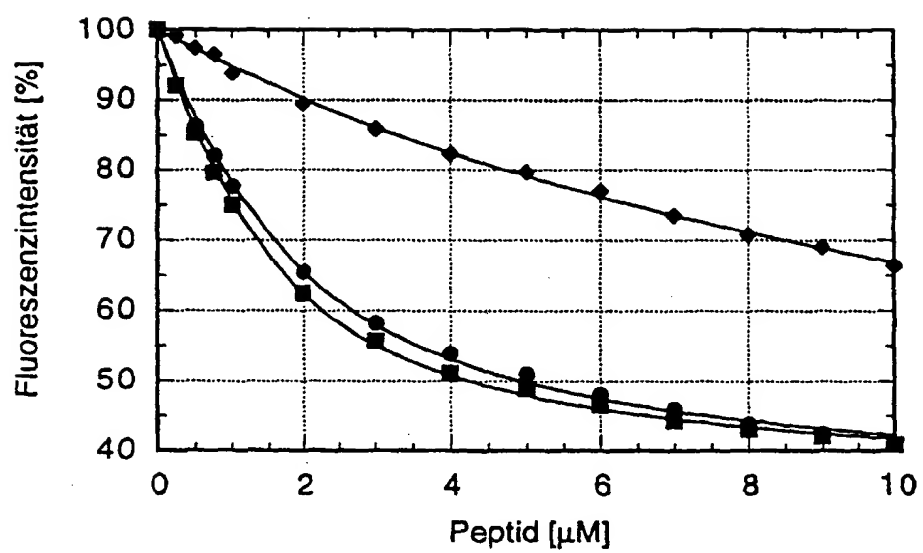


Fig. 3

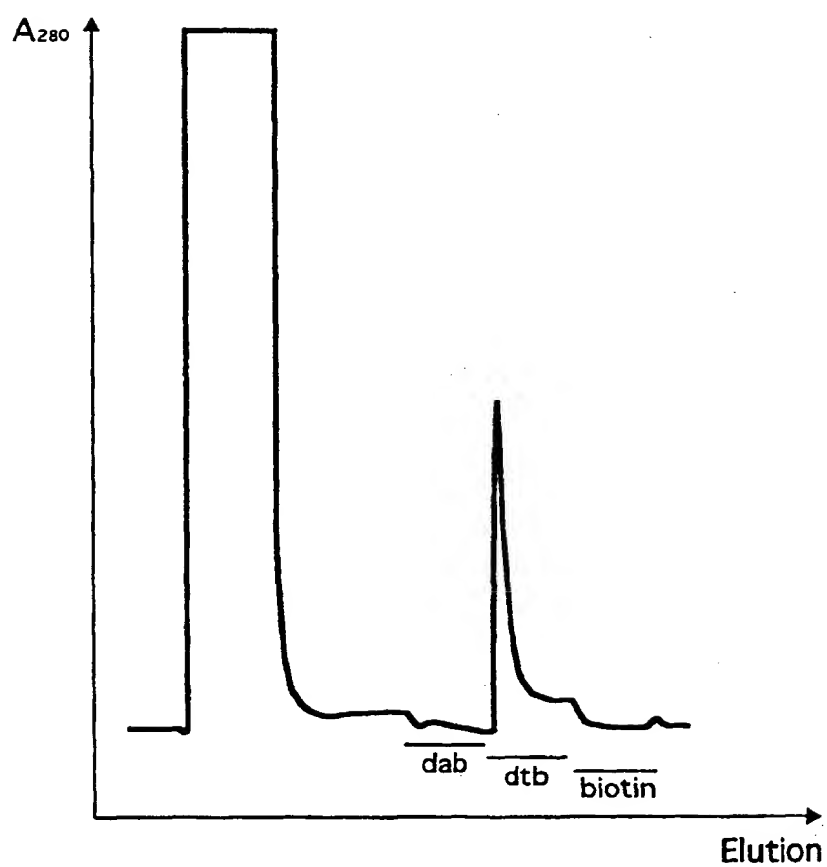


Fig. 4

(19)



Europäisches Patentamt

European Patent Office

Office européen des brevets



(11)

EP 0 835 934 A3

(12)

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(88) Veröffentlichungstag A3:
01.09.1999 Patentblatt 1999/35

(43) Veröffentlichungstag A2:
15.04.1998 Patentblatt 1998/16

(21) Anmeldenummer: 97117504.7

(22) Anmeldetag: 09.10.1997

(51) Int. Cl.⁶: **C12N 15/31**, C12N 15/62,
C07K 14/36, C12N 1/21,
G01N 33/50

(84) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU MC
NL PT SE

(30) Priorität: 10.10.1996 DE 19641876

(71) Anmelder:
Institut für Bioanalytik GmbH
37079 Göttingen (DE)

(72) Erfinder:
• Skerra, Arne, Prof.-Dr.
64283 Darmstadt (DE)
• Voss, Selma
55218 Ingelheim (DE)

(74) Vertreter:
Weiss, Wolfgang, Dipl.-Chem. Dr. et al
Patentanwälte
Weickmann & Partner,
Kopernikusstrasse 9
81679 München (DE)

(54) Streptavidinmuteine

(57) Die Erfindung betrifft ein Polypeptid, ausgewählt aus Muteinen von Streptavidin, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß es (a) innerhalb des Bereichs der Aminosäure-Positionen 44 bis 53, bezogen auf wt-Streptavidin, mindestens eine Mutation enthält und (b) eine höhere Bindungsaffinität für Peptidliganden, umfassend die Aminosäuresequenz Trp-X-His-Pro-Gln-Phe-Y-Z, wobei X eine beliebige Aminosäure darstellt und Y und Z entweder beide Gly oder Y Glu und Z Arg oder Lys bedeuten, aufweist als wt-Streptavidin. Weiterhin werden für das Polypeptid kodierende Nukleinsäuren, ein diese Nukleinsäuren enthaltender Vektor, eine mit dem Vektor transfizierte Zelle, sowie die Verwendung des Polypeptids in Verfahren zur Isolierung, Reinigung oder Bestimmung von Proteinen offenbart. Ein nochmals weiterer Gegenstand ist ein das Polypeptid enthaltender Reagenzienkit.

EP 0 835 934 A3



Europäisches
Patentamt

EUROPÄISCHER RECHERCHENBERICHT

Nummer der Anmeldung
EP 97 11 7504

EINSCHLÄGIGE DOKUMENTE			
Kategorie	Kennzeichnung des Dokuments mit Angabe, soweit erforderlich, der maßgeblichen Teile	Betrifft Anspruch	KLASSIFIKATION DER ANMELDUNG (Int.Cl.6)
P,X	VOSS S ET AL: "Mutagenesis of a flexible loop in streptavidin leads to higher affinity for the Strep-tag II peptide and improved performance in recombinant protein purification." PROTEIN ENGINEERING, (1997 AUG) 10 (8) 975-82. JOURNAL CODE: PR1. ISSN: 0269-2139., ENGLAND: UNITED KINGDOM, XP002107709 * das ganze Dokument *	1-27	C12N15/31 C12N15/62 C07K14/36 C12N1/21 G01N33/50
P,X	EP 0 799 890 A (BOEHRINGER MANNHEIM GMBH) 8.Oktober 1997	1-3,9, 12-15	
P,Y	* das ganze Dokument; Beispiele 1.3,5 *	19-27	
D,Y	DE 42 37 113 A (INSTITUT FUER BIOANALYTIK GMBH) 5.Mai 1994 * das ganze Dokument; Ansprüche 1-8; Beispiele 4-6 *	19-27	
			RECHERCHIERTE SACHGEBIETE (Int.Cl.6)
			C12N C07K G01N
Der vorliegende Recherchenbericht wurde für alle Patentansprüche erstellt			
Recherchenort DEN HAAG		Abschlußdatum der Recherche 8.Juli 1999	Prüfer ESPEN, J
KATEGORIE DER GENANNTEN DOKUMENTE		T: der Erfindung zugrunde liegende Theorien oder Grundsätze E: älteres Patentedokument, das jedoch erst am oder nach dem Anmeldedatum veröffentlicht worden ist D: in der Anmeldung angeführtes Dokument L: aus anderen Gründen angeführtes Dokument *: Mitglied der gleichen Patentfamilie, übereinstimmendes Dokument	
X: von besonderer Bedeutung allein betrachtet Y: von besonderer Bedeutung in Verbindung mit einer anderen Veröffentlichung derselben Kategorie A: technologischer Hintergrund O: mündliche Offenbarung P: Zwischenliteratur			

EPO FORM 1503 02 92 (P04C03)

**ANHANG ZUM EUROPÄISCHEN RECHERCHENBERICHT
 ÜBER DIE EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG NR.**

EP 97 11 7504

In diesem Anhang sind die Mitglieder der Patentfamilien der im obengenannten europäischen Recherchenbericht angeführten Patentedokumente angegeben.

Die Angaben über die Familienmitglieder entsprechen dem Stand der Datei des Europäischen Patentamts am
 Diese Angaben dienen nur zur Unterrichtung und erfolgen ohne Gewähr.

08-07-1999

Im Recherchenbericht angeführtes Patentedokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
EP 0799890 A	08-10-97	DE 19637718 A	02-10-97
		JP 10028589 A	03-02-98

DE 4237113 A	05-05-94	FR 2697525 A	06-05-94
		GB 2272698 A,B	25-05-94
		JP 7076596 A	20-03-95
		US 5506121 A	09-04-96

EPO FORM P0461

Für nähere Einzelheiten zu diesem Anhang : siehe Amtsblatt des Europäischen Patentamts, Nr.12/82

